

### Figure 1A

Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot, and a dash ("-") indicates a missing nucleotide.

		* 20 * 40	*		
Seqidl	:	ATGAATACCAAACTGACAAAAATCATTTCCGGTCTCTTTGTCGCAA	CCGC	:	50
Seqid3	:			:	50
Seqid5	:			:	50
		60 * 80 *	100		
Seqidl	:	CGCCTTTCAGACAGCATCTGCAGGAAACATTACAGACATCAAAGTT	TCCT	:	100
Seqid3	:			:	100
Seqid5	:			:	100
		-			
		* 120 * 140	*		
Seqid1	:	CCCTGCCCAACAAACAGAAAATCGTCAAAGTCAGCTTTGACAAAGA	GATT	:	150
Seqid3	:			:	150
Seqid5	:			:	150
		160 * 180 *	200		
_		GTCAACCCGACCGGCTTCGTAACCTCCTCACCGGCCCGCATCGCCT		:	200
Seqid3	:			:	200
Seqid5	:			:	200
		* 220 * 240	*		
Seqid1	:	CTTTGAACAACCGGCATTTCCATGGATCAACAGGTACTCGAATAT	GCCG	:	250
Seqid3	:			:	250
Seqid5	:			:	250
		260 * 280 *	300		
_		ATCCTCTGTTGAGCAAAATCAGTGCCGCACAAAACAGCAGCCGTGC			300
-				:	300
Seqid5	:			:	300



## Figure 1B

		* 320 * 340 *	
Seqid1	:	CTGGTTCTGAATCTGAACAAACCGGGCCAATACAATACCGAAGTACGCGG	: 350
Seqid3	:		: 350
Seqid5	:		: 350
		360 * 380 * 400	
Seqid1	:	GAACAAAGTTTGGATATTCATTAACGAATCGGACGATACCGTGTCCGCCC	: 400
Seqid3	:		: 400
Seqid5	:		: 400
		* 420 * 440 *	
Seqidl	:	CCGCACGCCCGCGTAAAAGCCGCGCCTGCCGCACCGGCAAAACAACAG	: 450
Seqid3	:		: 450
Seqid5	:		: 450
		460 * 480 * 500	
Segidl	:	GGCTGCCGCACCGTCTACCAAGTCCGCAGTATCCGTATCCAAACCCTTTA	: 500
Seqid5	:		: 499
		* 520 * 540 *	
Seaid1		CCCCGGCAAAACAACAG-CTGCCGCACCGTTTACCGAGTCCGTAGTATCC	: 549
_			
-			
004			
		560 * 580 * 600	
0 117		300 300	5.00
=		GTATCCGCACCGTTCAGCCCGGCAAAACAACAGGCGGCGCGCATCAGCAAA	
<del>-</del>			: 599
Seqias	:		: 599
		* 620	
_		ACAACAGACGGCAGCACCAGCAAAACAACAGACGGCAGCA	
Seaid3	•		: 649

# O STEM & THOM

#### Replacement Sheet

## Figure 1C

Seqid5	:	G			:	649
		660 *	680	* 700		
Seqidl	:	AACAGGCGGCAGCACCAGCAAAACA	AACCAATAT	CGATTTCCGCAAAGAC	:	699
Seqid3	:				:	699
Seqid5	:		• • • • • • • • •		:	699
		* 720	*	740 *		
-		GGCAAAAATGCCGGCATTATCGAAT				749
<del>-</del>						749
Seqid5	:				:	749
		760 *	780	* 800		
-		GCCCGACATCAGCCAACAGCACGAC			:	799
=					:	799
Seqid5	:				:	799
		* 820	*	840 *		
-		ATACCCTGCCGACCACGCTCCAACG				849
-						849
Seqid5	:				:	849
		860 *	880	* 900		
-		ACACCGGTTCAAAAGGTTACGCTGA				899
_	:				:	899
Seqid5	:		· • • • • • • • • • • • • • • • • • • •		:	899
		* 920	*	940 *		
Seqidl	:	GATTATCACAACAGCCGGCAACTGG	GAACTCGTC.	AACAAATCCGCCGCGC	:	949
Seqid3	:				:	949
Seqid5	:				:	949



### Figure 1D

		960 * 980 * 10	000		
Segid1	:	CCGGATACTTTACCTTCCAAGTCCTGCCGAAAAAACAAAACCTCGAG	ГСА	:	999
-				:	999
Seaid5				:	999
		* 1020 * 1040	*		
Seqid1	:	GGCGGCGTGAACAATGCGCCCAAAACCTTCACAGGCCGGAAAATCTCC	CCT	:	1049
Seqid3	:			:	1049
Seqid5	:			:	1049
		1060 * 1080 * 13	100		
Seqid1	:	TGACTTCCAAGATGTCGAAATCCGCACCATCCTGCAGATTTTGGCAA	AAG	:	1099
Seqid3	:			:	1099
Seqid5	:			:	1099
		* 1120 * 1140	*		
Seqidl	:	AATCCGGGATGAACATTGTTGCCAGCGACTCCGTCAACGGCAAAATG	ACC	:	1149
Seqid3	:			:	1149
Seqid5	:	A		:	1149
		1160 * 1180 * 1.	200		
=		CTCTCCCTCAAAGACGTACCTTGGGATCAGGCTTTGGATTTGGTTAT			1199
-					1199
Seqid5	:	GTG	• • •	:	1199
		* 1220 * 1240	*		
-		GGCACGCAACCTCGATATGCGCCAACAAGGGAACATCGTCAACATCG			1249
<del>-</del>					
Seqid5	:	GT	• • •	:	1249
		1000	200		
			300		1000
_		CCCGCGACGAGCTGCTTGCCAAAGACAAAGCCTTCTTACAGGCGGAA			
Seqid5	:			:	1299



## Figure 1E

		1320 1340		
Seqidl	:	GACATTGCCGATCTAGGCGCGCTGTATTCACAAAACTTCCAATTGAAATA	:	1349
Seqid3	:		:	1349
Seqid5	:	T.GTC	:	1349
		1360 * 1380 * 1400		
Seqid1	:	CAAAAATGTGGAAGAATTCCGCAGCATCCTGCGTTTGGACAATGCCGACA	:	1399
Seqid3	:		:	1399
Seqid5	:		:	1399
		* 1420 * 1440 *		
Seqid1	:	${\tt CAACCGGAAACCGCAATACGCTTGTCAGCGGCAGGGGCAGCGTGCTGATC}$	:	1449
Seqid3	:		:	1449
Seqid5	:	.G	:	1449
		1460 * 1480 * 1500		
_		${\tt GATCCCGCCACCAATACCCTGATTGTTACCGATACCCGCAGCGTCATCGA}$		
-				
Seqid5	:		:	1499
		* 1520 * 1540 *		
Seqid1	:	${\tt AAAATTCCGCAAACTGATTGACGAATTGGACGTACCCGCGCAACAAGTGA}$	:	1549
Seqid3	:		:	1549
Seqid5	:		:	1549
		1560 * 1580 * 1600		
Seqidl	:	$\tt TGATTGAGGCGCGTATCGTCGAAGCGGCAGACGGCTTCTCGCGCGATTTG$	:	1599
Seqid3	:		:	1599
Seqid5	:		:	1599
		* 1620 * 1640 *		
Seqid1	:	GGCGTTAAATTCGGCGCGACAGGCAAGAAAAAGCTGAAAAATGATACAAG	:	1649
a				1640

# O STREET & TRACE

### Replacement Sheet

## Figure 1F

Seqid5	:		:	1649
		1660 * 1680 * 1700		
_		CGCATTCGGCTGGGGGGTAAACTCCGGCTTCGGCGGCGACGATAAATGGG		
Seqid5	:		:	1699
		1700		
0 / 11		* 1720 * 1740 *		1710
_		GGGCCGAAACCAAAATCAACCTGCCGATTACCGCTGCCGCAAACAGCATT		
_				
Seqias	:		:	1/49
		1760 * 1780 * 1800		
C 11		TCGCTGGTGCGCGCATTTCCTCCGGTGCCTTGAATTTGGAATTGTCCGC		1700
<del>-</del>		1CGC 1GG1GCGCGA111CC1CCGG1GCC11GAA111GGAA11G1CCGC		
-				
seqias	:		:	1/99
		* 1820 * 1840 *		
Seaid1		ATCCGAATCGCTTTCAAAAACCAAAACGCTTGCCAATCCGCGCGTGCTGA		1849
_		A TOO STATE OF THE TENER AND T		
_				
beqras	•		•	1045
		1860 * 1880 * 1900		
Segid1	:	CCCAAAACCGCAAAGAGGCCAAAATCGAATCCGGTTACGAAATTCCTTTC	:	1899
_				
_				
-				
		* 1920 * 1940 *		
Seqid1	:	ACCGTAACCTCAATCGCGAACGGCGGCAGCAGCACGAACACGGAACTCAA	:	1949
Seqid3	:		:	1949
Seqid5	:		:	1949



## Figure 1G

		1960 * 1980 * 2000		
Seqidl	:	AAAAGCCGTCTTGGGGCTGACCGTTACGCCGAACATCACGCCCGACGGCC	:	1999
Seqid3	:		:	1999
Seqid5	:		:	1999
		* 2020 * 2040 *		
Seqidl	:	AAATCATTATGACCGTCAAAATCAACAAGGACTCGCCTGCGCAATGTGCC	:	2049
Seqid3	:		:	2049
Seqid5	:		:	2049
		2060 * 2080 * 2100		
Seqidl	:	TCCGGTAATCAGACGATCCTGTGTATTTCGACCAAAAACCTGAATACGCA	:	2099
Seqid3	:		:	2099
Seqid5	:		:	2099
		* 2120 * 2140 *		
Seqidl	:	GGCTATGGTTGAAAACGGCGGCACATTGATTGTCGGCGGTATTTATGAAG	:	2149
Seqid3	:		:	2149
Seqid5	:		:	2149
		2160 * 2180 * 2200		
Seqidl	:	AAGACAACGGCAATACGCTGACCAAAGTCCCCCTGTTGGGCGACATCCCC	:	2199
Seqid3	:		:	2199
Seqid5	:		:	2199
		* 2220		
Seqid1	:	GTTATCGGCAACCTCTTTAAAACACGCGGGAAAAAAAACCGACCG	:	2249
Seqid3	:		:	2249
Seqid5	:		:	2249
		2260 * 2280 * 2300		
Seqid1	:	ACTGCTGATTTTCATTACCCCGAGGATTATGGGTACGGCCGGC	:	2299
Seqid3	:		:	2299
Seqid5	:		:	2299



## Figure 1H

Seqidl	:	TGCGCTATTGA	:	2310
Seqid3	:		:	2310
Segid5	:		:	2310

# PE JCTO TO LEGIS

#### Replacement Sheet

### Figure 2A

#### Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot.

		* 20 *	40 . *		
Seqid2	:	MNTKLTKIISGLFVATAAFQTASAGNITDIKV	SSLPNKQKIVKVSFDKEI	:	50
Seqid4	:			:	50
Seqid6	:			:	50
		60 * 80	* 100		
C : -10					100
-		VNPTGFVTSSPARIALDFEQTGISMDQQVLEY			
_					
Seqia6	:		• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	:	100
		* 120 *	140 *		
Seqid2	:	LVLNLNKPGQYNTEVRGNKVWIFINESDDTVS	APARPAVKAAPAAPAKQQ	:	150
Seqid4	:			:	150
Seqid6	:			:	150
		160 * 180	* 200		
-		GCRTVYQVRSIRIQTLYPGKTTAAAPFTESVV			
		AAAPSTKSAVSVSKPFT.A.QQ			
Seqid6	:	AAAPSTKSAVSVSEPFT.A.QQ	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	:	200
		* 220 *	240 *		
Segid2	:	QQTAAPAKQQTAAPAKQQAAAPAKQTNIDFRK	DGKNAGIIELAALGFAGC	:	250
-					
-		AA			250
1					
		260 * 280	* 300		
Seqid2	:	PDISQQHDHIIVTLKNHTLPTTLQRSLDVADF	KTPVQKVTLKRLNNDTQL	:	300
Seqid4	:			:	300
Seaid6				•	300



## Figure 2B

		* 320 * 340	*		
Seqid2	:	IITTAGNWELVNKSAAPGYFTFQVLPKKQNLESGGVNNAPKTFTGRK	ISL	:	350
Seqid4	:			:	350
Seqid6	:			:	350
		360 * 380 *	400		
Segid2	:	DFQDVEIRTILQILAKESGMNIVASDSVNGKMTLSLKDVPWDQALDL		:	400
-					400
					400
		* 420 * 440	*		
Seqid2	:	ARNLDMRQQGNIVNIAPRDELLAKDKAFLQAEKDIADLGALYSQNFQ	LKY	:	450
Seqid4	:			:	450
Seqid6	:	L		:	450
		460 * 480 *	500		
Seqid2	:	KNVEEFRSILRLDNADTTGNRNTLVSGRGSVLIDPATNTLIVTDTRS	VIE	:	500
Seqid4	:			:	500
Seqid6	:	I	• • •	:	500
		* 520 * 540	*		
-		KFRKLIDELDVPAQQVMIEARIVEAADGFSRDLGVKFGATGKKKLKN			
Seqid4					550
Seqid6	:		• • •	:	550
			600		
Seqid2	:	AFGWGVNSGFGGDDKWGAETKINLPITAAANSISLVRAISSGALNLE	LSA	:	600
Seqid4			• • •	:	600
Seqid6	:		• • •	:	600
		* 620 * 640	*		
Seqid2	:	SESLSKTKTLANPRVLTQNRKEAKIESGYEIPFTVTSIANGGSSTNT	'ELK	:	650



## Figure 2C

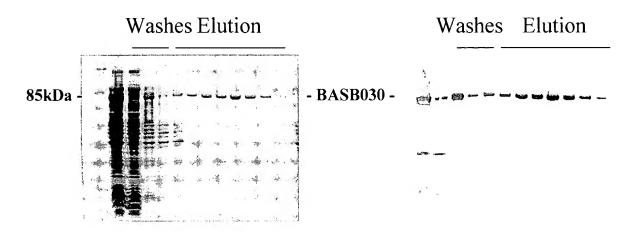
Seqid4 :	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •				:	650
Seqid6 :					:	: 650
	660	*	680	*	700	
Seqid2 :	KAVLGLTVTPNITPDGQ:	IIMTVKINK	DSPAQCASGI	NQTILCISTK	NLNTQ:	: 700
Seqid4 :					:	: 700
Seqid6 :					:	: 700
	*	720	*	740	*	
Seqid2 :	AMVENGGTLIVGGIYEE	DNGNTLTKV	PLLGDIPVI	GNLFKTRGKK	TDRRE :	: 750
Seqid4 :					:	750
Seqid6 :					:	: 750
	760					
Seqid2 :	LLIFITPRIMGTAGNSL	RY: 769				
Seqid4 :		: 769				



#### Figure 3

#### Expression and purification of recombinant BASB030 in E. coli.

Substantially pure (more than 80%) BASB030 protein fractions were obtained on a 4-20% gradient polyacrylamide gel (NOVEX) under SDS-PAGE conditions in parallel to a protein molecular weight marker. Gels were either stained with Coomassie Blue R250 or analyzed by western blot using an anti-(His5) monoclonal antibody.



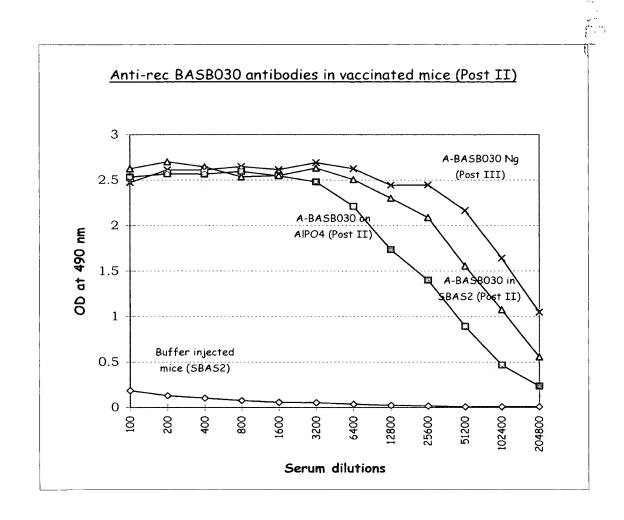
Coomassie staining

Anti-His immunostaining



Figure 4

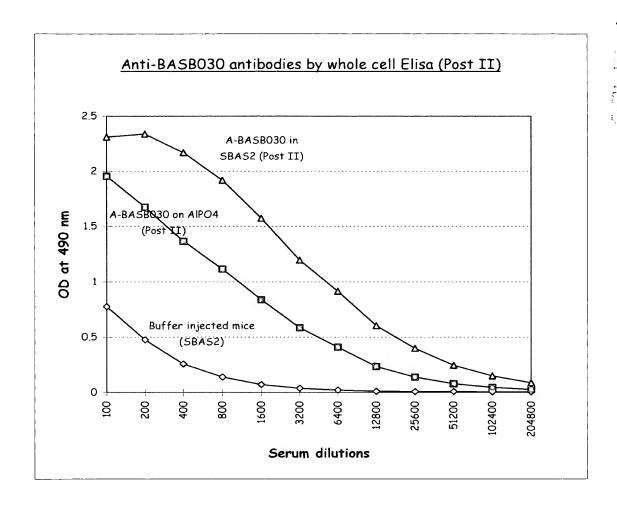
Immunogenicity of the native BASB030 polypeptide. Analysis of the anti-native BASB030 polypeptide on recombinant BASB030 by Elisa.





#### Figure 5

Immunogenicity of the native BASB030 polypeptide. Analysis of the anti-native BASB030 polypeptide response on whole cells by Elisa.



## O STEM & THERE

#### Replacement Sheet

#### Figure 6

Anti-BASB030 antibodies in human convalescent sera (part A) and in immunized mice (part B) by western-blotting using native BASB030 into the gel.

	Pai	rt A		Part B			
•	1, 2, 3	3 4 5	6 7	8	WW		
				·,		194	
	MANY -		ē		mayor 1984 and	120	
<b></b> ⊳		******	An / Yould		100 pt 1 70	87	
						64	
				regge re>		52	
<b>→</b>		*****	e white	and the second	A STATE OF THE STA	39	
			EdmontoCots ====	۰,	ng days it is	26	
			1		Bire	21	
			likelike		Mary .	15	
		•			4	9	
				•			

Lanes:

1 : convalescent serum n° 262068

2 : convalescent serum n° 261732

3 : convalescent serum n° 262117

4 : convalescent serum n° 261659

5 : convalescent serum n° 261469

6 : convalescent serum n° 261979

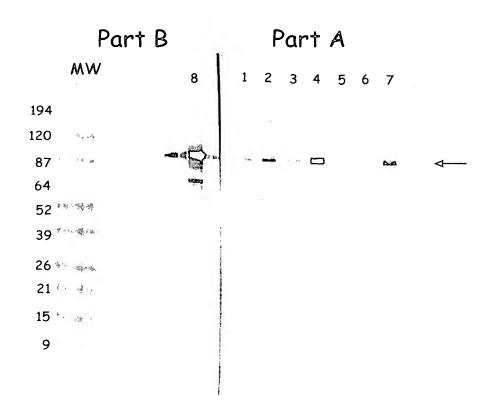
7 : convalescent serum n° 261324

8: pool of mice sera imunized with the homolog BASB030

protein from Neisseria gonorrhoeae.

#### Figure 7

Anti-BASB030 antibodies in human convalescent sera (part A) and in immunized mice (part B) by western-blotting using recombinant BASB030 protein into the gel.



Lanes:

1 : convalescent serum n° 262068

2 : convalescent serum n° 261732

3 : convalescent serum n° 262117

4 : convalescent serum n° 261659

5 : convalescent serum n° 261469

6 : convalescent serum n° 261979

7 : convalescent serum n° 261324

8: pool of mice sera imunized with the homolog BASB030

protein from Neisseria gonorrhoeae.

Figure 8

Protective effect of the anti-BASB030 antibodies in the passive protection model

